

**Résumé de la communication (sous de présentation orale) présentée au
5ème colloque du Reseau Evolution Virale. 30 Septembre-1er Octobre
2010, Montpellier, France.**

Pierre-Olivier Duroy, Xavier Perrier, Marie-Line Iskra-Caruana

Distribution des intégrations de BSV au sein de la diversité *Musa*

Il est désormais acquis que des séquences virales font partie intégrante du génome de nombreuses plantes. Il est à noter que ce sont les virus de la famille des *Caulimoviridae* qui sont les plus représentés, 5 des 6 genres constituant cette famille ont été décrits dans le génome des plantes bien qu'aucun d'eux ne nécessite une intégration dans leur cycle viral. Mon travail porte sur l'étude des intégrations de BSV (*Banana streak virus*) dans le génome de l'espèce *Musa balbisiana* pour 4 espèces de BSV. Ces intégrations, fragmentées et complexes sont supérieures à la taille d'un génome viral et se sont révélées fonctionnelles car capable de restituer un génome viral infectieux produisant des particules virales. L'objectif de mon étude est d'analyser le contexte d'insertion et d'étudier l'intérêt du maintien de ces séquences tant pour le virus que pour la plante. Pour cela mon étude porte sur un échantillonnage représentatif de la diversité des bananiers tenant compte des deux centres géographiques (Inde et Philippines) d'origine de la diversité interspécifique *Musa acuminata* et *Musa balbisiana*.